

令和 5 年 6 月 22 日現在

機関番号：82508

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20H00473

研究課題名(和文)植物セントロメアの形成機構解明と植物人工染色体の開発

研究課題名(英文)Elucidation of plant centromere formation mechanism and development of plant artificial chromosomes

研究代表者

舛本 寛 (Masumoto, Hiroshi)

公益財団法人かずさDNA研究所・先端研究開発部・室長

研究者番号：70229384

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 34,900,000円

研究成果の概要(和文)：合成DNAからなるヒト人工染色体は、染色体分配機能に関わるセントロメアやヘテロクロマチンの形成機構解明、更には遺伝子導入ベクターとして、基礎研究から応用研究までその利用価値は高い。一方、植物ではエピジェネティックな制御がより複雑であり、染色体分配に関わるセントロメアの解析は遅れている。CENP-Aは真核生物セントロメア形成の鍵となるヒストンH3のバリエーションである。本研究では植物CENP-Aの集合に関わる因子やヘテロクロマチン形成機構の解明を進めた。これらの知見を利用し、植物細胞へ導入した合成DNA上でセントロメアやヘテロクロマチンを新規形成させ、植物人工染色体の構築を目指して研究を進めた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

染色体分配機能に必須なセントロメアやヘテロクロマチンの集合メカニズムについては、解析の進む酵母やヒト細胞でも未だに不明な点が多く残されている。合成DNAを細胞へ導入することにより作製する人工染色体システムはセントロメアの機能構造を一から「作って調べる」ことができる優れた方法論でもある。更に人工染色体は巨大遺伝子導入ベクターとしても利用価値が高い。本研究では、植物セントロメアの集合機構解明と植物人工染色体の開発を目指して、合成反復DNA上でのセントロメア形成とヘテロクロマチン形成を誘導する研究を進めた。

研究成果の概要(英文)：Human artificial chromosomes composed of synthetic DNA are highly valuable for both basic and applied research, such as elucidating the formation mechanisms of centromeres and heterochromatin, which are involved in chromosome segregation, and as gene delivery vectors. In plants, on the other hand, epigenetic regulation is more complicated, and analysis of centromeres involved in chromosome segregation has lagged behind. CENP-A is a histone H3 variant that plays a key role in the formation of eukaryotic centromeres. In this study, we investigated the factors involved in plant CENP-A assembly and the mechanism of heterochromatin formation. Using these findings, we have been working to construct plant artificial chromosomes by forming de novo centromere and heterochromatin on synthetic DNA introduced into plant cells.

研究分野：分子生物学

キーワード：セントロメア CENP-A ヘテロクロマチン ヒト人工染色体 植物人工染色体 合成生物学

様式 C-19、F-19-1、Z-19(共通)

1. 研究開始当初の背景

染色体分配機能(ゲノムの安定継承)に関わるセントロメアでは、外側部にキネトコア構造が形成され、紡錘体微小管がここに相互作用し、染色体を動かす力を発揮する。一方、セントロメアの内側部ではヘテロクロマチンが集合し、染色分体の接着・分離を調節する足場となる。このようにキネトコアとヘテロクロマチンの両者がセントロメア領域に形成されることで染色体分配機能は正確に遂行される。ヒトや哺乳類、植物のセントロメアでは数メガベースに及ぶ巨大反復DNA(サテライトDNA)領域内にヒストンH3バリエーションであるCENP-Aを含んだクロマチンが集合し、このCENP-Aクロマチンのエピジェネティックな集合を標的に100以上のセントロメア・キネトコアタンパク因子群が階層的に集合し、分配機能を制御する。これまでにセントロメア機能形成に関わる個々の構成因子に関しては解明が進んだ。しかし、哺乳類や植物ではセントロメアの反復DNAからなる巨大で均一なサテライトDNA領域に、CENP-Aクロマチンの集合と共にこれとは拮抗するヘテロクロマチンも集合する。このように相反するクロマチンの集合機構やこれを維持・制御するメカニズム、また、その変動が引き起こす影響については不明な点が多く残されたままであった。本研究代表者は、ヒト21番染色体セントロメア由来の100kbの反復DNA(アルフォイドDNA:繰り返し単位は171bp)をヒト培養細胞へ導入して、分配機能(セントロメア機能)を保持するヒト人工染色体(HAC)を形成させることに世界で初めて成功した。(Ikeno et al. Nature Biotech, 1998) この反応ではCENP-Bタンパク質がアルフォイドDNA中のCENP-B box(Masumoto et al. JCB, 1989)に結合することで、CENP-Aクロマチン集合を含むセントロメア機能の新規形成とヘテロクロマチン化によるセントロメア不活性化の両反応が起こることを明らかにした(Ohzeki et al. JCB, 2002; Okamoto et al. EMBOJ, 2007; Okada et al. Cell, 2007)。一方、本代表者らはアルフォイドDNA反復単位にtetオペレーター配列(tetO)を組み込んだ合成アルフォイドDNAから分配機能を有するヒト人工染色体(tetO-HAC)を開発し、tetリプレッサー(tetR)-各種融合タンパクを直接結合させ、キネトコア機能形成を制御あるいは攪乱することや(Nakano et al. Dev Cell, 2008)キネトコアを染色体異所的部位で新規集合させることにも成功した(Ohzeki et al. EMBOJ, 2012; Shono et al. JCS, 2015)。

このように本研究代表者らの開発した人工染色体システムは、**セントロメアやヘテロクロマチン(ヒストンH3K9me2/3修飾)形成に関する機能構造の集合機構について、どの段階からでも「作って調べる」構成学的手法を適用できる極めてユニークで優れた方法論である。**また人工染色体システムは巨大DNAを導入できるベクターとしての利用価値も高い(Hasegawa et al. Chromosoma, 2015)。一方、植物では、Post Transcriptional Gene Silencing (PTGS)などによるエピジェネティックな制御もより複雑で、そのため解析がより困難なこともあり、セントロメア形成の分子メカニズムの解析は進んでいない。そこで**本研究では植物CENP-Aの集合メカニズムの解明を進めながら、この知見を利用しセントロメアやヘテロクロマチン形成を誘発させ植物人工染色体を新規構築しようとする研究である。**

2. 研究の目的

人工合成したDNAや蛋白質から新たな機能を生み出す合成生物学的手法は、基礎研究のみならず産業界にも強烈なインパクトを与え始めている。動物や植物でも分配機能に関わるセントロメア等の染色体機能を再構築できれば、人工の染色体一本を新たに追加して細胞の持つ基本メカニズムの解明や細胞の付加価値を高めながら物質生産に利用することも可能である。一方、植物では、遺伝子のエピジェネティックな発現抑制がより複雑で、分子生物学解析もより困難であ

【1 研究目的、研究方法など(つづき)】

ることから、染色体分配に関わるセントロメアやヘテロクロマチン形成の分子メカニズムの解明は遅れている。そこで本研究では植物セントロメアにも分布することが知られている植物 CENP-A の集合に関わる因子を明らかにし、植物セントロメアやヘテロクロマチンの形成機構の解明を進めた。この知見を利用し、植物細胞へ導入した合成 DNA 上でセントロメアを新規形成させて植物人工染色体の構築を目指した。このように**本研究では、植物と動物の生物界の違いを超えてセントロメアや染色体の基本原理解明を進める計画である。また、人工染色体の開発を通して巨大かつ多数遺伝子のベクターとしての利用への道を開拓するものである。**

3. 研究の方法

本研究では以下の4つの研究計画を進めた。

計画 1) ヒト細胞を用いた植物 CENP-A の集合因子の探索

この計画では、ヒトセントロメア因子やヒストン修飾酵素、クロマチン関連因子を tetR-EYFP-融合タンパク質として HeLa 細胞で発現し、tet0-アルフォイド DNA 異所的挿入部位に結合させ、Halo 融合植物 CENP-A を異所的挿入部位にリクルートできるかどうかについて調べた。この解析により、ヒトと植物で共通するセントロメアの集合メカニズム解明を目指した。

計画 2) 植物異所的部位での植物 CENP-A の集合メカニズムの解明

計画 1) で得られた tetR-ヒト因子候補を植物異所的 tet0-アルフォイド DNA にテザリングし、植物内在 CENP-A やヘテロクロマチンの集合が起こるかどうかについて調べた。

計画 3) 反復 DNA の合成と長鎖合成 DNA の導入による植物人工染色体の開発

多様な長鎖合成反復 DNA を植物細胞へ導入する。この時、計画 1) 2) で同定したヒト及び植物因子を導入合成 DNA 上へテザリングさせて CENP-A やヘテロクロマチンの集合を引き起こし、セントロメア化をアシストしながら植物人工染色体形成に至るかどうかについて調べた。一方、次の計画 4) で、ヒト人工染色体を植物細胞へ移植するためには、ヒト人工染色体へ植物マーカー遺伝子を挿入する必要がある。そこで、tet0 と lac0 を挿入した合成反復 DNA から多様な組み換え部位を保持する全く新たなヒト人工染色体 (tet0/lac0-HAC) の構築を進めた。

計画 4) HAC のプロトプラスト化植物細胞への導入と植物セントロメア化誘導

計画 3) での合成 DNA の導入方法だけで植物人工染色体形成にまで至るかどうかは不確かである。そこで、ヒト人工染色体 (HAC) を保持する分裂期ヒト細胞から細胞膜を壊し、ショ糖密度勾配遠心により HAC を単離し、この HAC をプロトプラスト法で植物細胞へ移植した。しかしながら、植物細胞は細胞壁に囲まれているため、これが HAC の移植に大きな障害となる。そこで植物の細胞壁を酵素的に処理しプロトプラスト化して形質転換体を効率よく得られる条件検討を進めた。

4. 研究成果

計画 1) ヒト細胞を用いた植物 CENP-A の集合因子の探索

本研究では、クローン化した植物由来 CENP-A (シロイヌナズナ、タバコ) 遺伝子をタバコ BY-2 細胞で発現させるとタバコ染色体のセントロメアに分布し、ChIP 法でも植物 CENP-A が実際にタバコセントロメアのサテライト DNA に集合していることを確認した。次に、これら植物由来 CENP-A 遺伝子をヒト細胞 (HeLa) で発現させるとヒトセントロメア領域にも集合できることを掴んだ。CENP-B 遺伝子を破壊するとこの集合は検出できなくなるので、CENP-B は植物 CENP-A の集合にも関わることが判明した。この結果はヒトセントロメア関連因子の中には植物 CENP-A をリクルートできる因子が確かに存在すること、更に CENP-B もそのような因子の一つであること

【1 研究目的、研究方法など(つづき)】

を示している。そこで、tet0-アルフォイド DNA 異所的挿入部位に多様な tetR-EYFP-ヒトセントロメア関連因子をテザリングさせて、Halo-植物 CENP-A を異所的挿入部位にリクルートできるかどうかについての解析を進めた。その結果、CENP-B 以外にも、ヒト因子 1 と 2 は CENP-B より更に強く、3 と 4 は弱く、植物 CENP-A をリクルートできることを発見した(図1)。意外にもヒト CENP-A のシャペロンである HJURP や CENP-C には植物 CENP-A

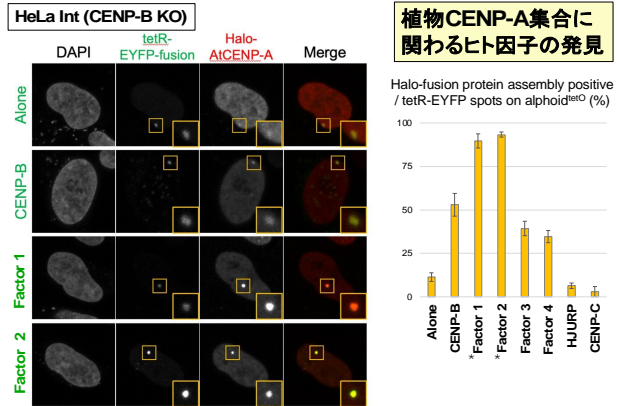


図1. ヒト細胞での植物 CENP-A の集合に関わるヒト因子の探索

を異所的アルフォイド DNA 挿入部位にリクルートする活性はなかった。HJURP や CENP-C 以外のこれらヒト因子も共にヒト CENP-A 集合やクロマチン集合にも関わりが指摘されている因子であり、これら因子が植物 CENP-A をヒト細胞で集合させていることが判明した。植物と動物での CENP-A クロマチンの集合機構の違いや共通するメカニズムについての今後の詳細な解析が期待される。一方、CENP-B は反復 DNA に結合するとその酸性アミノ酸に富むドメインがクロマチンの交換反応を促進し、ヒストン修飾酵素の集合を介して CENP-A 集合とヘテロクロマチン集合のお互いに拮抗するどちらのクロマチン集合をも促進することを発見し、CENP-B はクロマチン集合のバランス調整にも関わっていることを明らかにした(Otake et al. JCS, 2020)。

計画 2) 植物異所的部位での植物 CENP-A の集合メカニズムの解明

タバコ BY-2 細胞の解析では、tet0-アルフォイド DNA を染色体異所的部位に組み込んだ部位(プラットフォーム)は植物ヘテロクロマチンのマークであるヒストン H3K9me2 修飾が低レベルであった(Ohzeki et al. Plant Biotech, 2022)。

そこで、先ずヘテロクロマチン関連因子を植物異所的 tet0-アルフォイド DNA にテザリングし、植物ヘテロクロマチン(H3K9me2 修飾)の集合が起こせるかどうかについて ChIP 法で調べた。DNA メチル化酵素 DRM1 やヘテロクロマチン関連因子 SUVH9 を tetR 融合蛋白としてテザリングさせた結果、DRM1 でも SUVH9 でも tet0-アルフォイド DNA プラットフォーム上に典型的な植物ヘテロクロマチン(H3K9me2 修飾)の集合を誘発させて、維持させることに成功した(Otake et al. Plant J. 2023; 図2)。

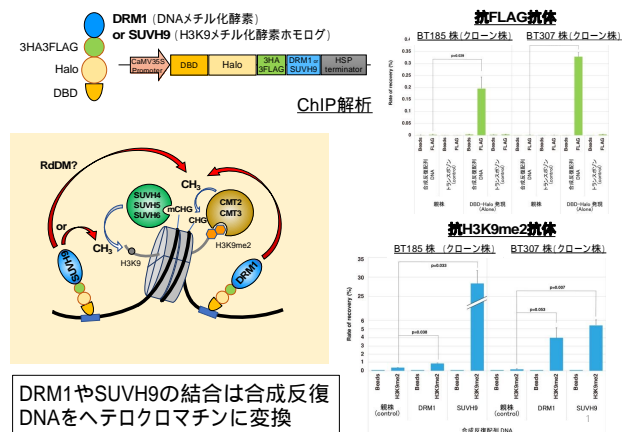


図2. DRM1 や SUVH9 の結合は合成反復 DNA をヘテロクロマチンに変換

計画 3) 反復 DNA の合成と長鎖合成 DNA の導入による植物人工染色体の開発

合成ヒトアルフォイド DNA を BY-2 細胞へ導入すると同時に計画 1) 2) で同定したヒト及び植物因子を tetR-融合タンパクとしてテザリングさせて CENP-A 集合が引き起こされるかどうかについて調べている。導入 DNA から直接植物人工染色体形成が起こるかどうか解析を進めて行く。一

【1 研究目的、研究方法など(つづき)】

方、次の計画 4)で、ヒト人工染色体を植物細胞へ移植するためには、植物マーカー遺伝子を挿入する必要がある。更に、効率良く植物 CENP-A クロマチンやヘテロクロマチンの変換操作を行うためにはセントロメアとヘテロクロマチン領域のドメインを分けたヒト人工染色体をヒト細胞で作製しておくことが望ましい。そこで、tet0 と lac0 を挿入した各種合成反復 DNA をヒト

HT1080 細胞へ導入し、ヒト人工染色体を効率良く作製する方法を確立した (Okazaki et al. Cells, 2022)。この条件を用いて多様な組み換え部位 (LoxP、VLox、SLox 誘導配列: MLS) を保持しながらセントロメアとヘテロクロマチンの領域を tet0 アルフォイド DNA と lac0 アルフォイド DNA 上にそれぞれ分けた新たなヒト人工染色体 (tet0/lac0-HAC) を構築した (図 3A)。実際に植物の選択マーカー遺伝子 (NPTII, mVenus) を HAC のこの組み換え部位 (MLS) に組み込むことにも成功した (図 3B)。

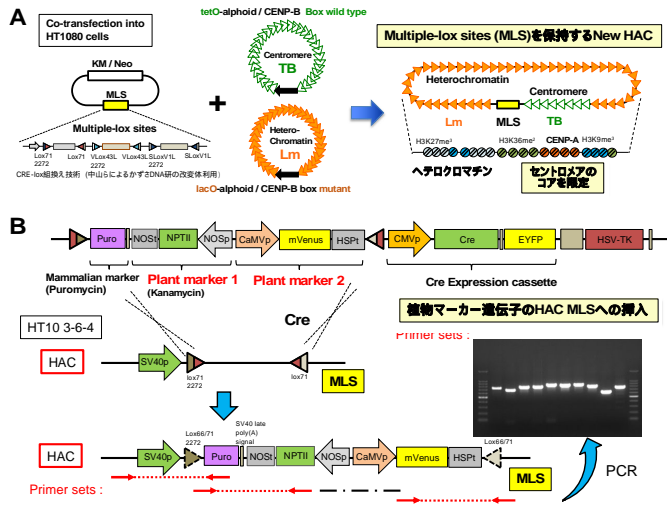


図 3. 新たなヒト人工染色体の構築と植物マーカー遺伝子の挿入

計画 4) HAC のプロトプラスト化植物細胞への導入と植物セントロメア化誘導

分裂期ヒト細胞から HAC (tet0/lac0-HAC) を単離し、この HAC をプロトプラスト法で植物細胞へ移植導入するためには、植物細胞壁が障害となる。そこで植物の細胞壁をセルラーゼとペクトリナーゼで酵素的に処理しプロトプラスト化する条件検討を進め、プロトプラスト化細胞へマーカー遺伝子 DNA (mVenus) を導入して効率良く形質転換体を得る条件を確立した (図 4)。植物の選択マーカー遺伝子を挿入したヒト人工染色体 (tet0/lac0-HAC : 図 4)

をプロトプラスト化 BY-2 細胞へ移植する実験を進め、これまでに形質転換体を複数個得ている。今後は移植ヒト人工染色体が BY-2 細胞の宿主染色体外で安定に維持されているかどうかについての検証を進めると共に、計画 1) 2) で明らかにした因子を直接ヒト人工染色体セントロメアやヘテロクロマチン領域に結合させて、セントロメアやヘテロクロマチン構造の植物タイプへの変換操作を組み合わせることで植物人工染色体化 (シャトル化) を目指す。

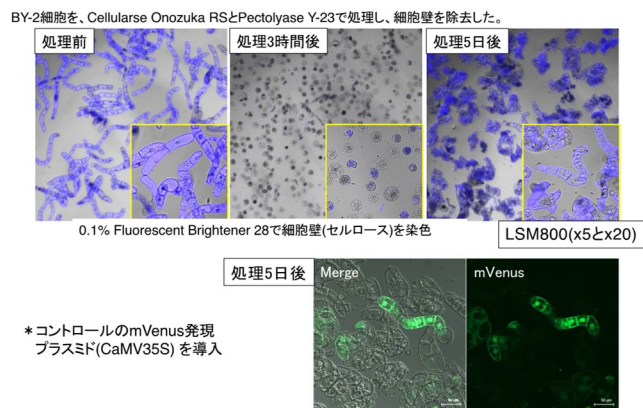


図 4. 植物細胞プロトプラスト化とマーカー遺伝子導入による形質転換体の取得

2021 年度は東北大学大学院工学研究科の高橋征司准教授 (研究分担者) の技術協力を得たことで、植物 CENP-A の集合に関わる因子の特定に加え、多様な因子を植物で発現させるための構築等に大きな成果を得ることができた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 10件 / うち国際共著 6件 / うちオープンアクセス 10件）

1. 著者名 Uchida Kazuhiko S.K., Jo Minji, Nagasaka Kota, Takahashi Motoko, Shindo Norihisa, Shibata Katsushi, Tanaka Kozo, Masumoto Hiroshi, Fukagawa Tatsuo, Hirota Toru	4. 巻 31
2. 論文標題 Kinetochore stretching-mediated rapid silencing of the spindle-assembly checkpoint required for failsafe chromosome segregation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Current Biology	6. 最初と最後の頁 1581 ~ 1591.e3
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cub.2021.01.062	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Ohzeki Junichirou, Kugou Kazuto, Otake Koichiro, Okazaki Koei, Takahashi Seiji, Shibata Daisuke, Masumoto Hiroshi	4. 巻 -
2. 論文標題 Introduction of a long synthetic repetitive DNA sequence into cultured tobacco cells	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Plant Biotechnology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.5511/plantbiotechnology.21.1210a	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Okazaki Koei, Nakano Megumi, Ohzeki Jun-ichirou, Otake Koichiro, Kugou Kazuto, Larionov Vladimir, Earnshaw William C., Masumoto Hiroshi	4. 巻 11
2. 論文標題 Combination of CENP-B Box Positive and Negative Synthetic Alpha Satellite Repeats Improves De Novo Human Artificial Chromosome Formation	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Cells	6. 最初と最後の頁 1378 ~ 1378
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cells11091378	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Petrov Nikolai, Lee Hee-Sheung, Liskovych Mikhail, Teulade-Fichou Marie-Paule, Masumoto Hiroshi, Earnshaw William C., Pommier Yves, Larionov Vladimir, Kouprina Natalay	4. 巻 12
2. 論文標題 Terpyridine platinum compounds induce telomere dysfunction and chromosome instability in cancer cells	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Oncotarget	6. 最初と最後の頁 1444 ~ 1456
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.18632/oncotarget.28020	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Otake Koichiro, Ohzeki Jun-ichirou, Shono Nobuaki, Kugou Kazuto, Okazaki Koei, Nagase Takahiro, Yamakawa Hisashi, Kouprina Natalay, Larionov Vladimir, Kimura Hiroshi, Earnshaw William C., Masumoto Hiroshi	4. 巻 133(15)
2. 論文標題 CENP-B creates alternative epigenetic chromatin states permissive for CENP-A or heterochromatin assembly	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Cell Science	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1242/jcs.243303	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Hanano Shigeru, Tomatsu Hajime, Ohnishi Ai, Kobayashi Koichi, Kondo Yuki, Betsuyaku Shigeyuki, Takita Eiji, Ogata Yoshiyuki, Ozawa Keishi, Suda Kunihiro, Hosouchi Tsutomu, Nagase Takahiro, Suzuki Hideyuki, Sakurai Nozomu, Masumoto Hiroshi, Fukuda Hiroo, Shibata Daisuke	4. 巻 23
2. 論文標題 An Artificial Conversion of Roots into Organs with Shoot Stem Characteristics by Inducing Two Transcription Factors	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 101332 ~ 101332
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.101332	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Martins Nuno M. C., Cisneros-Soberanis Fernanda, Pesenti Elisa, Kochanova Natalia Y., Shang Wei-Hao, Hori Tetsuya, Nagase Takahiro, Kimura Hiroshi, Larionov Vladimir, Masumoto Hiroshi, Fukagawa Tatsuo, Earnshaw William C.	4. 巻 133(14)
2. 論文標題 H3K9me3 maintenance on a Human Artificial Chromosome is required for segregation but not centromere epigenetic memory	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Cell Science	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1242/jcs.242610	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Ohzeki Jun-ichirou, Otake Koichiro, Masumoto Hiroshi	4. 巻 389
2. 論文標題 Human artificial chromosome: Chromatin assembly mechanisms and CENP-B	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Experimental Cell Research	6. 最初と最後の頁 111900 ~ 111900
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.yexcr.2020.111900	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fachinetti Daniele, Masumoto Hiroshi, Kouprina Natalay	4. 巻 396
2. 論文標題 Artificial chromosomes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Experimental Cell Research	6. 最初と最後の頁 112302 ~ 112302
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.yexcr.2020.112302	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Pesenti Elisa, Liskovych Mikhail, Okazaki Koei, Mallozzi Alessio, Reid Caitlin, Abad Maria Alba, Jeyaprakash A. Arockia, Kouprina Natalay, Larionov Vladimir, Masumoto Hiroshi, Earnshaw William C.	4. 巻 9
2. 論文標題 Analysis of Complex DNA Rearrangements during Early Stages of HAC Formation	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 ACS Synthetic Biology	6. 最初と最後の頁 3267 ~ 3287
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acssynbio.0c00326	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Otake Koichiro, Kugou Kazuto, Robertlee Jekson, Ohzeki Jun ichirou, Okazaki Koei, Hanano Shigeru, Takahashi Seiji, Shibata Daisuke, Masumoto Hiroshi	4. 巻 114
2. 論文標題 <i>De novo</i> induction of a <scp>DNA</scp>?histone <scp>H3K9</scp> methylation loop on synthetic human repetitive <scp>DNA</scp> in cultured tobacco cells	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 The Plant Journal	6. 最初と最後の頁 668 ~ 682
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/tpj.16164	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計7件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 大竹興一郎、久郷和人、大関淳一郎、Jekson Robertlee、花野滋、岡崎孝映、高橋征司、柴田大輔、舛本寛
2. 発表標題 クロマチン操作による植物遺伝子発現制御 (Gene expression control by chromatin manipulation on a plant chromosome)
3. 学会等名 第38回 日本植物バイオテクノロジー学会(つくば)大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大竹興一郎、久郷和人、大関淳一郎、Jekson Robertlee、花野滋、岡崎孝映、高橋征司、柴田大輔、舛本寛
2. 発表標題 クロマチン操作による植物遺伝子発現制御 (Gene expression control by chromatin manipulation on a plant chromosome)
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大関淳一郎、岡崎孝映、中野めぐみ、大竹興一郎、白澤健太、磯部祥子、舛本寛
2. 発表標題 「作って調べる」セントロメアクロマチン (Analyzing the human centromere chromatin structure by creating a chromosome)
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大竹興一郎、大関淳一郎、久郷和人、Jekson Robertlee、岡崎孝映、花野滋、高橋征司、柴田大輔、舛本 寛
2. 発表標題 ヒトアルフォイドDNAシステムによる植物クロマチンの制御
3. 学会等名 第39回 染色体ワークショップ・第20回 核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大関淳一郎、久郷和人、岡崎孝映、中野めぐみ、大竹興一郎、白澤健太、磯部祥子、舛本寛
2. 発表標題 「作って調べる」セントロメアクロマチン
3. 学会等名 第39回 染色体ワークショップ・第20回 核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大竹興一郎、久郷和人、大関淳一郎、Jekson Robert lee、岡崎孝映、高橋征司、柴田大輔、舛本寛
2. 発表標題 ヒトアルフォイドDNAシステムによる植物クロマチンの制御
3. 学会等名 第40回 染色体ワークショップ・第21回 核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大竹興一郎、久郷和人、大関淳一郎、Jekson Robert lee、岡崎孝映、花野滋、高橋征司、柴田大輔、舛本寛
2. 発表標題 ヒトクロマチン操作技術の植物細胞への応用:DNA-Histoneの新規メチル化誘導
3. 学会等名 第45回 日本分子生物学会年会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 大関淳一郎、Vladimir Larionov、舛本寛	4. 発行年 2020年
2. 出版社 ニューサイエンス社	5. 総ページ数 4
3. 書名 月刊「細胞」7月号、特集「染色体医工学」、「染色体の安定性制御と創薬スクリーニング」	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	高橋 征司 (Takahashi Seuji) (90343061)	東北大学大学院・工学研究科・准教授 (11301)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	大竹 興一郎 (Otake Koichirou)		
研究協力者	大関 淳一郎 (Ohzeki Jun-ichirou)		
研究協力者	岡崎 孝映 (Okazaki Koei)		

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関